# Phylogenomics データによる真核生物大系統解析

Phylogenomic study for understanding the global eukaryotic phylogeny

## 稲垣祐司

### 筑波大学計算科学研究センター

#### 1. 研究目的

2019 年度に作成した 338 遺伝子データにふくまれるハプト藻、有中心粒太陽虫、テロネマ類の生物種をできる限り拡大し大規模分子系統解析を行うことを主要目的とした。その際に、「ハプト藻+テロネマ+有中心粒太陽虫」クレードおよび「SAR 生物群+テロネマ」クレードを復元しつつ、Microheliella maris とクリプチスタ生物群間の姉妹関係がどの程度支持されるか検証した。

#### 2. 研究成果の内容

319 遺伝子からなるアライメントをもちいた最終的な大規模分子系統解析では、M. maris はクリプチスタ生物群の基部に位置し、その系統的位置は最尤法によるブートストラップ値(MLBP)100%、ベイズ法の事後確率(BPP)1.0 で支持された。このM. maris とクリプチスタ生物群からなる"パンクリプチスタ"クレードは一次植物類と姉妹群となり、この系統関係はMLBP=100%およびBPP=1.0 で支持された。さらに、パンクリプチスタクレードおよび一次植物類の特定の生物種を排除したアライメントに対し、319 遺伝子から無作為に抽出した50、100、150、200 遺伝子から構成されるアライメント、進化速度の速いアライメント座位を削除した319 遺伝子アライメントを作成・解析し、注目する系統関係がどの程度の統計的サポートのもと復元されるかを検証した。その結果を精査することにより、これまでに行われた大規模分子系統解析で一次植物類の単系統性が、高い統計的サポートのもとで復元されにくかった原因を探求した。

上記の解析により、M. marina の系統的位置がクリプチスタ生物群の基部から分岐する系統であることを明確に示し、新たな系統グループとして "パンクリプチスタ"を提案するに至った。また、パンクリプチスタは一次植物類と姉妹群関係にあること、これまでの研究でなぜこの系統関係が復元できなかった原因を特定することに成功した。パンクリプチスタと一次植物類との姉妹群関係は、真核生物大系統の理解に向けた大きな一歩となる。

### 3. 学際共同利用が果たした役割と意義

M. marina の系統的位置を確定するために行った 319 遺伝子アライメントデータの一連の解析には、大規模計算リソースが必要である。学際共同利用プログラムにより提供されるリソースは、大規模分子系統解析を実施するうえで貴重なプログラムである。

#### 4. 今後の展望

タクソンサンプリングが分子系統解析の結果に大きな影響を与えることは広く認識されている。我々は、真核生物大系統を解明するうえでこれまで認識されていない真核微生物がカギを握ると考え一連の研究を進めてきた。本研究の結果は、我々がこれまで行ってきた新奇真核微生物の探索とその系統的位置の解明が、真核生物進化に貢献することを強固に裏付けるものである。今後も、新奇真核微生物の大規模配列データに基づき>300 遺伝子アライメントデータを作成・解析し、真核生物進化について新たな知見を提供してゆく。

#### 5. 成果発表

- (1) 学術論文
  - ① Yazaki E, Kume K, Shiratori T, Eglit Y, Tanifuji G, Harada R, Simpson AGB, Ishida K, Hashimoto T, Inagaki Y. Barthelonids represent a deep-branching matamonad clade with mitochondrion-related organelles predicted to generate no ATP. 2020 

    \*Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences\* 287(1934):20201538. DOI: 10.1098/rspb.2020.1538
  - Yazaki E, Miyata R, Chikami Y, Harada R, Kawakubo T, Tanifuji G, Nakayama T, Yahata K, Hashimoto T, Inagaki Y. Signs of the plastid: Enzymes involved in plastid-localized metabolic pathways in a eugregarine species. 2021 *Parasitology International in press*.
- (2) 学会発表

なし

(3) その他

なし

使用計算機	使用計算機	配分リソース**	
	120	当初配分	追加配分
Cygnus			
Oakforest-PACS	0	1000	
※配分リソースについてはノード時間積をご記入ください。			